

## บทที่ 3

### ทฤษฎีอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์

#### 3.1 บทนำ

อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์เป็นวิธีการคำนวณทางคอมพิวเตอร์ซึ่งพัฒนามาจากกระบวนการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต ถูกคิดค้นขึ้นมาโดย จอห์น ฮอลแลนด์ (John Holland) ในช่วงปี ค.ศ.1960 และถูกพัฒนาต่อโดย โกลด์เบิร์ก (Goldberg) ซึ่งอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ได้ถูกนำมาประยุกต์ใช้สำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุดสำหรับปัญหาที่มีความสลับซับซ้อนของตัวแปรต่างๆ เช่น การประมวลผลภาพ, การทำนายโครงสร้างในสามมิติของโปรตีน, การวางแผนการเคลื่อนที่ของหุ่นยนต์, การวางแผนการโคจรของดาวเทียม, การออกแบบอาคาร, การออกแบบเครือข่ายการสื่อสาร

พื้นฐานของวิธีการนี้จะเป็นการสุ่มประชากรขึ้นมากลุ่มหนึ่งแล้วใช้กระบวนการทางชีววิทยา ได้แก่ Selection, Crossover, Mutation กระทำกันระหว่างประชากรภายในกลุ่มจนได้ประชากรใหม่มา หากประชากรใหม่ที่ได้มีค่าความสามารถที่ดีกว่าประชากรในรุ่นเดิม ก็จะนำมาแทนที่ประชากรในรุ่นเดิม ทำซ้ำจนกระทั่งได้กลุ่มประชากรที่มีความสามารถที่ดีที่สุด เราสามารถสรุปกระบวนการทางของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ได้เป็นข้อๆ ดังนี้

- 1.อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ใช้การค้นหาโดยการเข้ารหัสของตัวแปรต่างๆ ในปัญหาที่ต้องการหา
- 2.อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์จะทำการค้นหาโดยใช้กลุ่มประชากรเริ่มต้น
- 3.อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์จะใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function) ในการกำหนดค่าเหมาะสมซึ่งใช้เป็นแนวทางในการหาผลเฉลยของปัญหา
- 4.อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์จะใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรม (Genetic Operators) ในการกระทำกับกลุ่มประชากรภายในกลุ่มเพื่อให้ได้กลุ่มประชากรใหม่

ซึ่งลักษณะเบื้องต้นข้างบนทำให้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์เป็นแนวทางในการนำมาประยุกต์ใช้ในการประมวลผลทางคอมพิวเตอร์ได้ดี

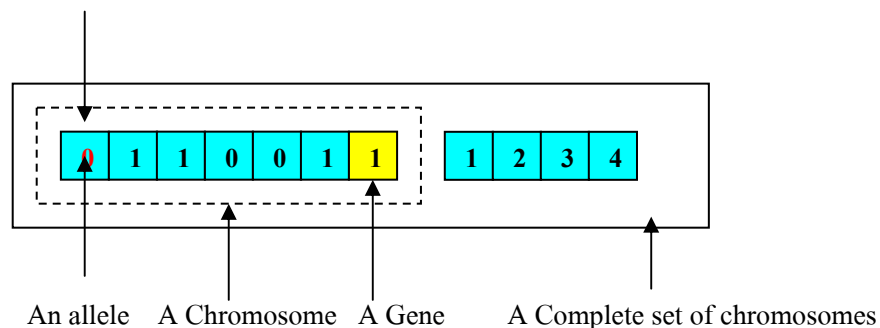
เนื่องจากอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์มีพื้นฐานมาจากกระบวนการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตทางชีววิทยาดังนั้นศัพท์ที่ใช้จึงเป็นศัพท์ที่ใช้ทางด้านชีววิทยา อธิบายได้ว่า อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์นี้จะเริ่มจากการสุ่มกลุ่มของผลเฉลย (Population) ที่ถูกเข้ารหัสเป็นสายของอักขระ (String) หรือในทางชีววิทยาจะเรียกกันว่าโครโมโซม (Chromosome) ซึ่งใช้สำหรับแทนผลเฉลยรับ

ที่ได้จากปัญหา โดยในแต่ละโครโมโซมจะประกอบไปด้วยกลุ่มของอักขระ(Character) หรือยีน (Gene) โดยแต่ละยีนนี้จะอยู่ในตำแหน่งที่แน่นอนของโครโมโซมเรียกว่า โลกัส (Locus) และสถานะของยีน(Genes) ณ ตำแหน่งที่แน่นอนบนโครโมโซมนั้นเรียกว่า อัลลีล (Allele) โดยลักษณะเฉพาะของโครโมโซม(Chromosomes) ที่ถูกเข้ารหัสเหล่านี้เรียกว่า จีโนไทป์ (Genotype) ของผลเฉลย และเมื่อมีการถอดรหัสโครโมโซมจะได้ผลเฉลยจริงของปัญหาซึ่งผลเฉลยจริงของปัญหานี้เรียกว่า ฟีนไทป์ (Phenotype) ของผลเฉลย เราสามารถเปรียบเทียบคำศัพท์ที่ใช้ในทางชีววิทยาและศัพท์ที่ใช้ทางด้านคอมพิวเตอร์สำหรับอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ได้ดังตาราง 3.1 และแสดงส่วนประกอบต่างๆ ของโครโมโซมได้ดังภาพประกอบที่ 3.1

ตารางที่ 3.1 การเปรียบเทียบระหว่างคำศัพท์เฉพาะทางชีววิทยาและศัพท์ทางคอมพิวเตอร์ที่ใช้สำหรับอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์

คำศัพท์เฉพาะทางชีววิทยา	ศัพท์ที่ใช้ในอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์
Chromosome	String or Code of a solution
Gene	Encoding
Allele	A binary or digit number
Locus	A location of a gene
Genotype	Fitness or a value of an objective function
Phenotype	A series of decision variables

A location of a gene (locus)

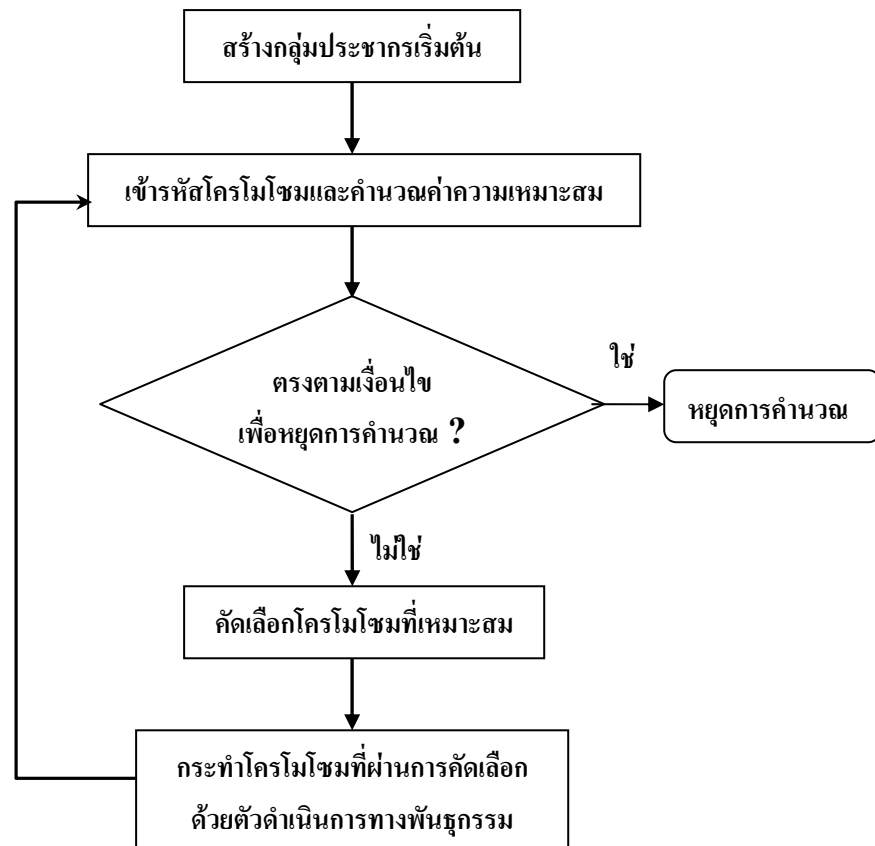


ภาพประกอบที่ 3.1 แสดงส่วนประกอบของโครโมโซม

### 3.2 อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์อย่างง่าย (Simple Genetic Algorithm)

อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์อย่างง่ายซึ่งอธิบายโดย โกลด์เบิร์ก (Goldberg) ในปี ค.ศ.1989 ได้แสดงให้เห็นถึงส่วนประกอบและกระบวนการพื้นฐานของระเบียบวิธีนี้ อธิบายเป็นขั้นตอนได้ว่า

1. เริ่มจากการสุ่มกลุ่มโครโมโซม (Chromosome) ซึ่งเป็นกลุ่มประชากร (Population) เริ่มต้น
2. ถอดรหัสของแต่ละโครโมโซมไปเป็นจำนวนเต็ม จำนวนจริงหรือเลขฐานสอง
3. ทดสอบค่าวัตถุประสงค์ของประชากรแต่ละตัวจากฟังก์ชันวัตถุประสงค์แล้ว
4. กำหนดค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของแต่ละโครโมโซมโดยใช้ค่าวัตถุประสงค์ (Objective Value) ข้างต้น
5. สร้างประชากรชุดใหม่จากประชากรชุดเก่าด้วยการคัดเลือก (Selection) โดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสม (Fitness Value)
6. นำประชากรชุดใหม่ที่ได้มากระทำตามวิธีการทางพันธุศาสตร์ ซึ่งได้แก่ การแลกเปลี่ยนยีน (Crossing Over) และ การกลายพันธุ์ (Mutation)
7. ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2 ถึง 6 จนกระทั่งผลเฉลยที่ได้ดูเข้าสู่อันดับของปัญหาที่ต้องการ โดยกระบวนการจากข้อ 2 ถึง 6 นี้เรียกว่าหนึ่งรุ่นของประชากร (Generation) แสดงได้ดังภาพประกอบที่ 3.2



ภาพประกอบที่ 3.2 แผนภาพแสดงขั้นตอนกระบวนการของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์

จากกระบวนการดังกล่าวข้างต้นจะเห็นได้ว่ากระบวนการหลักๆของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์อย่างง่าย (Simple Genetic Algorithm) ประกอบไปด้วย 5 ขั้นตอน อันได้แก่ การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosomes Coding), การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Evaluation), การคัดเลือก (Selection), การแลกเปลี่ยนยีน (Crossing Over), การกลายพันธุ์ (Mutation) ซึ่งกระบวนการเหล่านี้สามารถอธิบายรายละเอียดได้ดังนี้

### 3.2.1 การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosomes Coding)

จากที่ได้กล่าวถึงเบื้องต้น จะเห็นว่าอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ จะทำการคำนวณในปริภูมิของตัวแปรที่เกิดจากการเข้ารหัสตัวแปรที่ต้องการหาคำตอบ โดยทั่วไปรูปแบบของรหัสที่ใช้มักจะอยู่ในรูปของเลขฐานสอง ซึ่งโครโมโซมที่ใช้แทนคำตอบของปัญหาแต่ละปัญหาประกอบไปด้วยเซตของ Allele 0 หรือ 1 โดยความยาวของโครโมโซมจะถูกกำหนดตามความต้องการและ

มักขึ้นอยู่กับลักษณะของปัญหา โดยตัวอย่างของโครโมโซมที่เป็นเลขฐานสองแสดงดังภาพประกอบที่ 3.3

0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1
$X_1$				$X_2$				$X_3$			

ภาพประกอบที่ 3.3 โครโมโซมที่เข้ารหัสเป็นเลขฐานสอง

จากรูปโครโมโซมที่เข้ารหัสเป็นเลขฐานสองมีความยาว 12 บิตถูกใช้แทน 1 ผลเฉลยของปัญหาซึ่งประกอบไปด้วยตัวแปร  $X$  3 ตัว ได้แก่  $X_1$ ,  $X_2$  และ  $X_3$  โดยตัวแปร  $X$  แต่ละตัวจะถูกแทนที่ด้วยเลขฐานสองความยาว 4 บิต ซึ่งหมายความว่าผลเฉลยที่เป็นไปได้ของตัวแปร  $X$  แต่ละตัวมีได้ถึง  $2^4 = 16$  ค่า และหากรวมผลเฉลยของตัวแปรทั้ง 3 จะมีกรณีที่สามารถเกิดขึ้นได้ถึง 4,096 กรณี

### 3.2.2 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Evaluation)

โดยทั่วไปค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของแต่ละโครโมโซมจะมีความสัมพันธ์กับค่าวัตถุประสงค์ (Objective Value) ที่ได้จากการคำนวณของปัญหาค่าหนึ่ง ซึ่งหมายความว่า การคำนวณค่าความเหมาะสม (Fitness Value) จะต้องถอดรหัสโครโมโซมแต่ละโครโมโซมไปเป็นตัวแปรจริงของปัญหาแล้วคำนวณค่าวัตถุประสงค์ (Objective Value) โดยแทนตัวแปรที่ได้จากการถอดรหัสไปในฟังก์ชันวัตถุประสงค์ซึ่งเป็นฟังก์ชันที่ใช้วัดคุณสมบัติของโครโมโซมว่าเหมาะสมกับปัญหานั้นๆ เพียงใด ถ้าเป็นปัญหาในการหาเงื่อนไขที่ดีที่สุด (Optimization) หรือปัญหาการหาจุดสูงสุด เราสามารถนำค่าวัตถุประสงค์ (Objective Value) ไปใช้เป็นค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ได้เลย แต่ถ้าเป็นปัญหาในการหาเงื่อนไขน้อยที่สุด (Minimization) หรือปัญหาการหาจุดต่ำสุด ค่าความเหมาะสม (Fitness Value) จะหาได้โดย

$$f_i = C_{\max} - J_i \quad (1)$$

เมื่อ

$f_i$  แทนค่าความเหมาะสม (Fitness value) ของแต่ละประชากร

$C_{\max}$  แทนค่าคงที่ซึ่งเป็นจำนวนจริงบวกที่มั่นใจว่าจะมีค่ามากกว่าค่าความเหมาะสม (Fitness value) ที่ได้จากปฏิภูมิของการค้นหาเสมอ ค่า  $C_{\max}$  นี้มักจะหาพิจารณาจากค่าสูงสุดของค่าวัตถุประสงค์ (Objective value) ของประชากรชุดแรก

$J_i$  แทน ค่าวัตถุประสงค์ (Objective Value) ซึ่งได้มาจากการหาโดยใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function)

### 3.2.3 การคัดเลือก (Selection)

กระบวนการการคัดเลือกเป็นส่วนที่ทำให้เกิดการเลือกโครโมโซมที่ดีที่สุดนั้น หมายถึงเป็นส่วนที่ทำให้เกิดการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาในแต่ละรุ่นของจำนวนโครโมโซมทั้งหมด กล่าวคือ จำนวนโครโมโซมของปัญหาเราจะกำหนดเป็นชั่วรุ่น (Generation) แล้วจะมีการเลือกโครโมโซมที่ดีที่สุดในแต่ละรุ่นเพื่อนำโครโมโซมที่ดีที่สุดในรุ่นนี้มาเป็นตัวกำเนิดโครโมโซมในรุ่นต่อไป โดยเทคนิคของการคัดเลือกที่นิยมใช้มีสองชนิดได้แก่ Roulette Wheel Selection และ Stochastic Universal Sampling selection ซึ่งจะได้อธิบายในรายละเอียดดังนี้

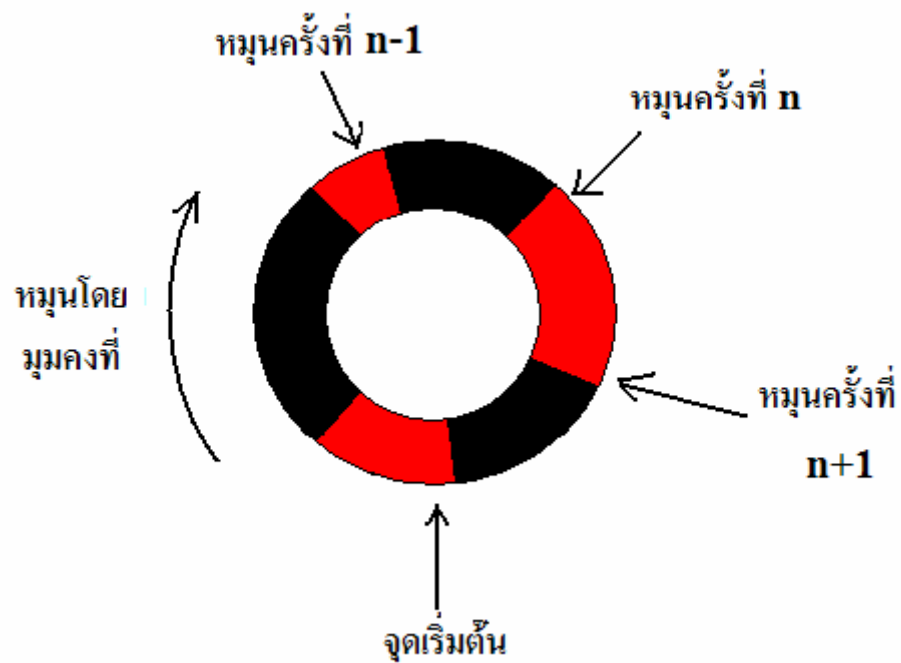
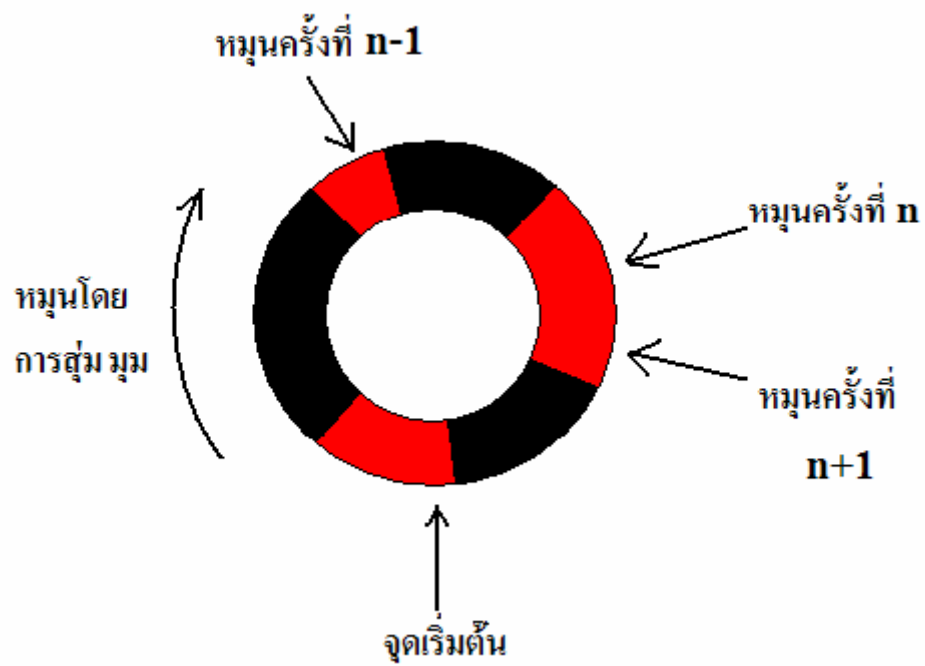
#### Roulette Wheel Selection

Roulette Wheel Selection เป็นเทคนิคการคัดเลือกที่ง่ายที่สุด ซึ่งเทคนิคนี้สามารถนำมาเปรียบเทียบกับวงล้อ Roulette ที่มีช่อง Slot ซึ่งมีขนาดไม่เท่ากัน โดยช่อง Slot ที่มีขนาดใหญ่จะเทียบได้กับโอกาสของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากและสามารถถูกเลือกไปสู่รุ่น (Generation) ถัดไปได้มาก ในขณะที่ช่อง Slot ที่มีขนาดเล็กจะเทียบได้กับโอกาสของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยและจะถูกเลือกไปสู่รุ่นถัดไปได้น้อย ซึ่งขนาด Slot ของวงล้อ Roulette แต่ละช่องจะหาได้จากอัตราส่วนของค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัวกับค่าความเหมาะสมรวมของโครโมโซมทุกตัว ในการคัดเลือกจะทำการกำหนดจุดคงที่หนึ่งจุดแล้วหมุนวงล้อ Roulette โดยการสุ่ม เมื่อวงล้อ Roulette หยุดที่จุดใด โครโมโซมที่ถูกแทนโดย Slot ช่องนั้นจะถูกคัดเลือกไปเป็นโครโมโซมของประชากรรุ่นต่อไป จากนั้นจะทำการหมุนวงล้อโดยการสุ่มต่อไปเพื่อคัดเลือกโครโมโซมจนครบตามจำนวนประชากรเริ่มต้น ดังภาพประกอบ 3.4 แต่มีข้อสังเกตอยู่ว่าวงล้อ Roulette ต้องถูกหมุนโดยการสุ่มอย่างแท้จริงและจำนวนครั้งของการคัดเลือก (ในที่นี้ขึ้นอยู่กับจำนวนประชากร) จะต้องมีจำนวนครั้งมากพอ การคัดเลือกจึงจะเป็นไปตามวัตถุประสงค์ที่ต้องการคือ โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสที่จะถูกเลือกมากและในทางตรงกัน

ข้ามโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยก็จะมีโอกาสที่จะถูกเลือกน้อย แต่เนื่องจากจำนวนครั้งของการหมุนของวงล้อ Roulette ถูกจำกัดโดยจำนวนประชากรดังนั้นในกรณีที่มีจำนวนประชากรน้อยการคัดเลือกโดยวิธีนี้จะไม่เป็นไปตามวัตถุประสงค์ของการคัดเลือกอย่างแท้จริง คือโอกาสที่ประชากรที่มีค่าความเหมาะสมน้อยอาจจะถูกเลือกได้เท่ากับหรือมากกว่าประชากรที่มีค่าความเหมาะสมมาก ปัญหานี้สามารถแก้ไขได้โดยการใช้เทคนิค Stochastic Universal Sampling Selection ซึ่งจะอธิบายต่อไป

### Stochastic Universal Sampling Selection

การคัดเลือกโดยเทคนิคนี้จะกระทำได้โดยเริ่มต้นจากการหาโอกาสในการถูกเลือกของโครโมโซมแต่ละตัวซึ่งเปรียบได้กับความกว้างของช่อง Slot แต่ละช่องของวงล้อ Roulette ตามวิธีการที่กล่าวมาแล้วข้างต้น จากนั้นทำการสุ่มจุดที่ขอบของวงล้อ Roulette ขึ้นมาจุดหนึ่งแล้วทำการหมุนวงล้อ Roulette ไปเป็นมุมที่แน่นอนครั้งละ  $360/n$  โดยที่  $n$  คือ จำนวนประชากรทั้งหมด การหมุนในแต่ละครั้งจะทำให้ได้โครโมโซมหนึ่งตัว ซึ่งเมื่อหมุน  $n$  ครั้งก็จะได้ประชากรครบตามจำนวนเดิม แผนภูมิ (Stochastic Universal Sampling Selection) แสดงดังภาพประกอบ 3.4 การหมุนด้วยมุมที่คงที่นี้จะทำให้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากจะมีโอกาสที่จะถูกเลือกมากและโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยจะมีโอกาสที่จะถูกเลือกน้อย ซึ่งสามารถแก้ปัญหาที่เกิดขึ้นจากเทคนิค Roulette Wheel Selection



ภาพประกอบที่ 3.4 การคัดเลือกแบบ Roulette Wheel Selection และ Stochastic Universal Sampling Selection

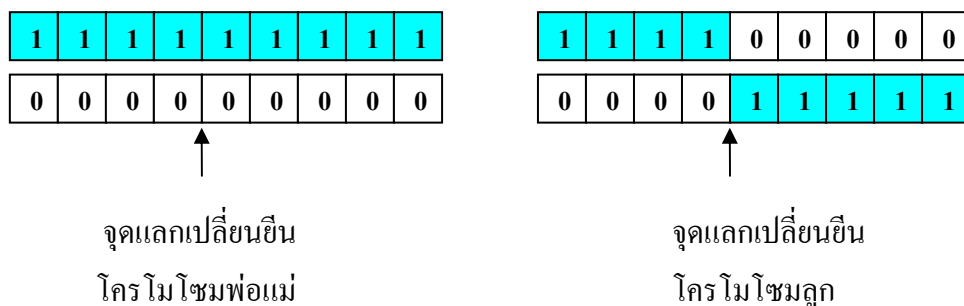


### 3.2.4 การแลกเปลี่ยนยีน (Crossing-over)

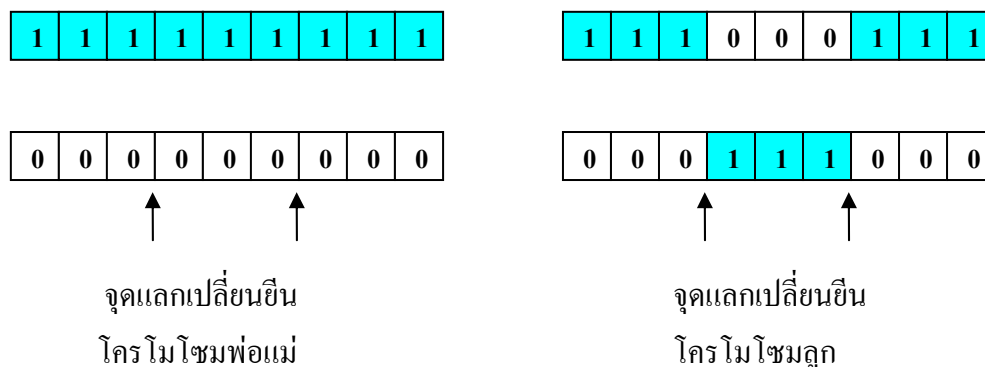
ดังที่กล่าวไว้ข้างต้นว่าอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์จะทำการคำนวณโดยใช้วิธีการทางพันธุกรรมเพื่อเปลี่ยนแปลงโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการคัดเลือกมาแล้ว โดยวิธีการทางพันธุกรรมชนิดหนึ่งคือ การแลกเปลี่ยนยีน (Crossing-over) ซึ่งกระบวนการนี้จะเริ่มต้นด้วยการสุ่มเลือกโครโมโซมมาคู่หนึ่งจากโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการคัดเลือก (Selection) มาแล้ว โครโมโซมคู่นี้จะเรียกว่าโครโมโซมพ่อแม่ (Parent Individuals) และจากนั้นจะทำการแลกเปลี่ยนยีนกันระหว่างโครโมโซมพ่อแม่เกิดเป็นโครโมโซมลูกมาสองตัว (Offspring) หลังจากนั้นจะทำการกระบวนการเดียวกันนี้กับโครโมโซมที่เหลืออยู่จนได้โครโมโซมลูกครบตามจำนวนประชากรเดิม แต่โดยทั่วไปแล้วการแลกเปลี่ยนยีนจะไม่ได้เกิดขึ้นกับทุกโครโมโซมพ่อแม่ที่ถูกเลือกมา ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับความน่าจะเป็นในการเกิดการแลกเปลี่ยนยีน (Crossing-over Probability) ซึ่งโดยทั่วไปแล้วมักจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.7 ถึง 0.9 โดยหากไม่เกิดการแลกเปลี่ยนยีน จะทำให้โครโมโซมลูกที่ได้มีลักษณะเหมือนโครโมโซมพ่อแม่ทุกประการ เทคนิคของการแลกเปลี่ยนยีน ที่ใช้กันมากมีสองเทคนิคคือ (n-Point Crossing-over) และ (Uniform Crossing-over) โดยรายละเอียดของทั้งสองเทคนิคนี้จะอธิบายดังนี้

#### n-Point Crossing-over

เทคนิคการแลกเปลี่ยนยีน (Crossing-over) ชนิดนี้เกิดขึ้นได้โดยการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมรุ่นลูกที่จับคู่กัน โดยที่การแลกเปลี่ยนยีนนี้จะเกิดขึ้นทางด้านใดด้านหนึ่งของจุดกำหนด (Crossing-over Site) แล้วสลับกันไปตามจุดของการแลกเปลี่ยนยีน โดยจำนวนจุดของการแลกเปลี่ยนยีน  $n$  จุดนี้จะต้องมีค่ามากกว่าหรือเท่ากับ 1 ดังแสดงในภาพประกอบ 3.5



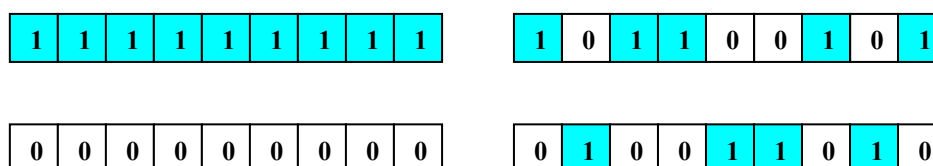
ภาพประกอบที่ 3.5 การแลกเปลี่ยนยีนแบบ 1 จุด



ภาพประกอบที่ 3.6 การแลกเปลี่ยนยีนแบบ 2 จุด

#### Uniform Crossing-over

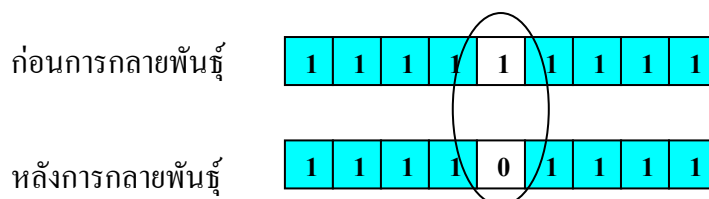
เทคนิคการแลกเปลี่ยนยีนชนิด n-Point Crossing-over ตามที่กล่าวมาข้างต้นจะพิจารณาการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อแม่โดยพิจารณาจากจุดกำหนดที่เกิดการแลกเปลี่ยนยีน (Crossing-over Site) แต่สำหรับเทคนิคการแลกเปลี่ยนยีนชนิด Uniform Crossing-over นี้ จะพิจารณาการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อแม่ทีละอัลลีล (Allele) หรือทีละบิตของเลขฐานสอง โดยใช้วิธีการสุ่มหาค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนอัลลีลคู่หนึ่งๆ หากอัลลีลหรือบิตใดๆ ได้รับอนุญาตให้ทำการแลกเปลี่ยนยีนได้ อัลลีลของโครโมโซมที่เป็นตัวพ่อก็จะถูกนำมาแทนที่อัลลีลของโครโมโซมที่เป็นตัวแม่ และอัลลีลของโครโมโซมที่เป็นตัวแม่ก็จะถูกนำมาแทนที่อัลลีลของโครโมโซมที่เป็นตัวพ่อ ดังแสดงในภาพประกอบที่ 3.7



ภาพประกอบที่ 3.7 การแลกเปลี่ยนยีนแบบ Uniform

### 3.3.4 การกลายพันธุ์ (Mutation)

การกลายพันธุ์ (Mutation) เป็นวิธีการหนึ่งที่ใช้สร้างโครโมโซมใหม่จากโครโมโซมเดิม ซึ่งจะส่งผลให้โครโมโซมใหม่ตัวนี้ ถูกเปลี่ยนแปลงไปเพียงเล็กน้อยโดยการกลับค่า อัลลีลของยีน (Gene) ตัวอย่างเช่นในกรณีของโครโมโซมเลขฐานสองการกลายพันธุ์ (Mutation) จะเกิดขึ้น โดยการกลับบิตของข้อมูล (Bit Flipped) ซึ่งแสดงดังภาพประกอบ 3.8



ภาพประกอบที่ 3.8 แสดงการกลายพันธุ์ของประชากร

จากภาพประกอบที่ 3.8 บริเวณที่เกิดการกลายพันธุ์ (Mutation) คือ ตำแหน่ง locus ที่ 5 ของโครโมโซม โดย Allele ของยีน (Gene) ที่ตำแหน่งนี้จะถูกเปลี่ยนจาก 1 เป็น 0 ซึ่งการเกิดการกลายพันธุ์ (Mutation) นี้ จะไม่ได้เกิดขึ้นในทุกตำแหน่งของยีน (Gene) บนโครโมโซม แต่จะเกิดได้จากความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ ซึ่งโดยทั่วไปแล้ว จะมีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 0.1 เราจะเห็นว่าเมื่อเทียบความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีน (Crossing-over Probability) ที่มีค่าอยู่ในช่วง 0.7 ถึง 0.9 กับ ความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ ที่มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 0.1 แล้วการแลกเปลี่ยนยีน (Crossing-over) จะเป็นตัวดำเนินการหลักที่มีผลอย่างมากต่อการคำนวณของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ ส่วนการกลายพันธุ์ (Mutation) แม้จะมีโอกาสในการเกิดน้อยกว่าจึงทำให้มีผลต่อการคำนวณน้อย แต่ก็เป็นตัวดำเนินการหนึ่งที่สามารถสร้างโครโมโซมที่มีความเหมาะสมกว่าประชากรรุ่นพ่อแม่ได้